Interactions entre différentes espèces du complexe fusarien, Fusarium graminearum, F. culmorum et Microdochium majus

Dorothée Siou, Sandrine Gelisse, Valerie Laval, Cédric Repinçay, Florence Forget, Isabelle Pinson, Christian C. Lannou, . Physico-Chimie Et Ecotoxicologie Des Sols d'Agrosystèmes Contaminés, . Mycologie Et Sécurité Des Aliments

▶ **To cite this version:**

Dorothée Siou, Sandrine Gelisse, Valerie Laval, Cédric Repinçay, Florence Forget, et al.. Interactions entre différentes espèces du complexe fusarien, Fusarium graminearum, F. culmorum et Microdochium majus. 8. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie de la Société Française de Phytopathologie (SFP), Jan 2011, Ausois, France. hal-02754502

HAL Id: hal-02754502
https://hal.inrae.fr/hal-02754502

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Phylloclimate or the climate perceived by individual plant organs: What is it? Which interest for plant disease epidemiology?

M. Chelle

INRA, UMR1091 Environnement et Grandes Cultures, 78850 Thiverval-Grignon, France

Phylloclimate corresponds to the physical environment actually perceived by each individual aerial organ of a plant population, and is described by physical variables such as spectral irradiance, temperature, on-leaf water and features of around-organ air (wind speed, temperature, humidity, etc.). Knowing the actual climate in which plant organs grow may enable advances in the understanding of plant–environment interactions, as knowing surface temperature instead of air temperature enabled advances in the study of canopy development. This may be particularly relevant for the spatially distributed processes that are the interactions between plant organs and pathogen fungi. Characterizing phylloclimate variables, using experimental work or modeling, raises many questions such as the choice of suitable space- and time-scale as well as the ability to individualize plant organs within a canopy. This is of particular importance when aiming to link phylloclimate and function–structure plant models, which appears promising to study the complex relationship between canopy architecture and epidemics. Finally, recent trends and challenging questions in phylloclimate research are discussed, as well as their possible applications in plant epidemiology.

(1) Chelle M., P. Cellier. 2009. Horizontal variability in air temperature over time within a maize interrow. Agr. For. Meteorol., 149:1294-1300.
(2) Saudreau M., Sinoquet H.., Santin O., Marquier A., Adam B., Longuenesse J.-J., Guilioni L., Chelle M. 2007. A 3-d model for simulating the spatial and temporal distribution of temperature within ellipsoidal fruit in response to microclimate changes. Agr. For. Meteorol. 147: 1-15.

Keywords: phylloclimate, temperature, modeling, canopy architecture

Effet de la disponibilité en eau sur la composition, la dynamique et la diversité fonctionnelle des communautés de champignons ectomycorhiziens

F. Richard (1), M. Duchemin (2), O. Shahin (1), M. Roy (1), M.-A. Selosse (1)

1) UMR 5175, CEFE-CNRS, Route de Mende, 34000 Montpellier
2) UMR 1222, INRA SupAgro, 2 Place Viala, 34060 Montpellier

Dans les écosystèmes forestiers, les arbres entretiennent des interactions mutualistes avec des champignons du sol en formant des organes mixtes, les ectomycorhizes. Cette interface entre les racines et la solution du sol est cruciale pour la nutrition minérale des végétaux. Des travaux antérieurs ont montré que les espèces fongiques possèdent une capacité variable d'hydrolyse des composés organiques du sol. L'objectif de nos travaux est de mesurer *in situ*, à l'échelle des communautés fongiques ectomycorhiziennes, cette diversité fonctionnelle, ses variations dans le temps, et d'en explorer la réponse à la diminution de la disponibilité en eau attendue dans les prochaines décennies en région Méditerranéenne. Les premiers résultats issus de deux années d'échantillonnage montrent que les communautés présentent (i) trois activités hydrolytiques dominantes (phosphatase, laccase et chitinase) et (ii) un ensemble de cinq activités faibles (glucoronidase, xyloxidase, cellobiohydrolase et beta-glucosidase). De façon remarquable, ces huit activités enzymatiques sont variablement affectées par la réduction de la disponibilité en eau et par la période de l'année. L'activité phosphatase, dominante dans cet écosystème, est significativement plus élevée en été qu'en automne, semble favorisée par une réduction de la disponibilité en eau, et apparaît assurée par la contribution de quelques taxons dominants tels que *Cenococcum geophilum* ou *Lactarius zonarius*. Ces résultats sont discutés en termes de conséquences sur le fonctionnement de ces écosystèmes, et de distribution des espèces fongiques au sein des communautés ectomycorhiziennes.

Mots-clés : Ectomycorhizes, écologie des communautés, diversité fonctionnelle, forêts méditerranéennes, *Quercus ilex*, sécheresse

Ecologie des communautés fongiques: vers l'analyse "Metaxonimique" des sols forestiers

M. Buée (1), M. Reich (1), C. Murat (1), E. Morin (1), R.H. Nilsson (2), S. Uroz (1), F. Martin (1)

1) INRA, UMR 1136, INRA/Nancy Université, Interactions Arbres - Microorganismes, 54280 Champenoux, France
2) UNIVERSITY OF GOTHENBORG, Department of Plant and Environmental Sciences, Box 461, 405 30 Gothenborg, Sweden

Alors qu'elle est au cœur du fonctionnement des écosystèmes forestiers, la diversité des champignons reste encore peu connue, et les estimations de la richesse fongique varient entre 600 000 et 1,5 million d'espèces au niveau mondial, avec moins de 75 000 espèces réellement décrites. Ainsi, l'évolution de la diversité des champignons sous la contrainte de différents facteurs reste un domaine de recherche majeur en écologie, mais difficile à investir. Cependant, l'écologie des champignons est probablement à l'orée d'un immense champ d'investigation et d'informations, lié à l'exploitation des technologies de séquençage à haut débit. Afin d'évaluer de manière approfondie la diversité des communautés fongiques forestières sous différentes essences, nous avons appliqué la technique de pyroséquençage 454 (standard) à des amplicons « taggés », amplifiés à partir d'ADN totaux extraits de différents sols forestiers. Six sols forestiers d'un même site expérimental, correspondant à six plantations d'essences distinctes, ont ainsi été étudiés : le Chêne, le Hêtre, l'Epicéa commun, le Douglas, le Sapin de Nordmann et le Pin laricio de Corse. Nos résultats révèlent une impressionnante diversité fongique, correspondant en moyenne à près de 1 000 « Operational Taxonomic Units (OTUs) » pour 4 grammes de sol. Cependant, environ trois-quarts des 160 000 séquences générées ne correspondent qu'à une trentaine de taxa, dont certains restent hyper dominants indépendamment de l'essence considérée. Malgré le caractère ubiquiste de certaines de ces espèces, l'analyse de la diversité fongique de ce site confirme un effet particulièrement structurant de la plante hôte sur les communautés de champignons associés (saprotrophes, mycorhiziens ou pathogènes). Ce travail sera discuté dans la lumière d'autres travaux de métagénomiques fongiques récemment publiés.

Mots-clés : pyroséquençage, métagénomique, communauté fongique, effet de l'hôte, diversité

Cascade : un modèle hiérarchique de développement épidémique à plusieurs échelles spatiales emboitées

M. Gosme (1,2), P. Lucas (1)

1) UMR1099, Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, INRA-Agrocampus, F-35653 Le Rheu
2) UMR211 Agronomie, INRA-AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France

Les maladies des plantes se transmettent à différentes échelles spatiales: entre parcelles, entres plantes, entre feuilles … Nous proposons un modèle (Gosme et Lucas, 2009a) qui permet de prendre en compte la dispersion à plusieurs niveaux simultanément, en se basant sur la théorie de la hiérarchie : (1) le système est décomposé verticalement en niveaux et horizontalement en « holons » (élément qui est une unité à un niveau donné et un système complet lorsqu'il est vu du niveau inférieur) et (2) les niveaux supérieurs sont caractérisés par des processus plus lents que les niveaux inférieurs. Ainsi l'espace est représenté par un arbre hiérarchique : les sites d'infection se regroupent en feuilles, qui se regroupent en plantes, qui se regroupent en parcelles … et à chaque niveau, les infections ont lieu entre éléments d'un même groupe. Cette simplification de l'organisation spatiale permet d'utiliser un algorithme récursif simple et de simuler des épidémies présentant une structure spatiale marquée sans recourir à un modèle spatialement explicite. De plus, le modèle permet d'étudier la structure spatiale des épidémies à l'aide d'outils classiques en épidémiologie végétale (relation incidence-incidence, power-law binomiale) et de tester différentes structures d'hôte (par exemple pour comparer différents types de semis) et d'inoculum (quantité et agrégation) (Gosme et Lucas, 2009b).

(1) Gosme, M., Lucas, P., 2009a. Cascade: an epidemiological model to simulate disease spread and aggregation across multiple scales in a spatial hierarchy. Phytopathology 99:823-832.
(2) Gosme, M., Lucas, P., 2009b. Disease spread across multiple scales in a spatial hierarchy: effect of host spatial structure, and of inoculum quantity and repartition. Phytopathology 99:833-839

Mots-clés : épidémiologie, modélisation, hiérarchie, incidence, agrégation

Interactions entre différentes espèces du complexe fusarien, *Fusarium graminearum*, *F. culmorum* et *Microdochium majus*

D. Siou (1), S. Gélisse (1), V. Laval (1), C. Repinçay (2), F. Forget (3), L. Pinson (3), C. Lannou (1)

(1) INRA BIOGER-CPP, 78850 THIVERVAL-GRIGNON
(2) INRA PESSAC, Route de Saint-Cyr 78026 VERSAILLES
(3) INRA MycSa, 33883 VILLENAVE D'ORNON

La fusariose de l'épi est une des maladies les plus importantes des céréales. Elle est responsable de lourdes pertes de rendement et d'une diminution de la qualité du grain par la présence de mycotoxines de types Déoxynivalénol (DON) et Nivalénol (NIV). Les relations entre les symptômes observés sur l'épi, le niveau d'infection réel des grains et la quantité de toxines qu'ils contiennent, sont encore mal connues. En particulier, la présence de plusieurs espèces sur l'épi entraîne l'existence d'interactions au sein du complexe fusarien, susceptibles de modifier leur développement. Pour comprendre ce processus d'interactions, 12 souches de 4 espèces majeures, *Fusarium culmorum*, *F. graminearum*, *Microdochium majus* et *M. nivale* ont été inoculées sur des épis de blé en serre, seules ou en co-inoculation. Malgré une forte variabilité entre souches, de bonnes corrélations ont été décrites entre les différentes mesures de sévérité, la biomasse fongique et la quantité de toxines dans les grains. Le résultat le plus frappant est que les souches présentant un potentiel toxinogène élevé (mesuré *in vitro*) ne sont pas liées à de fortes sévérités, biomasses fongiques et quantités de toxines obtenues sur grains. L'effet des co-inoculations est mesuré par la biomasse fongique et la quantité de toxines produites. On peut dégager les tendances générales suivantes : la biomasse de *F. graminearum* dans les farines est toujours diminuée lorsqu'il est en interaction avec *F. culmorum* ainsi que celle de *M. majus* lorsqu'il est co-inoculé avec *F. graminearum*. Au niveau des toxines, dans la majeure partie des interactions étudiées, les DON sont produites en plus faibles quantité lorsque *F. graminearum* et *F. culmorum* sont en compétition et en plus grande quantité lorsque *F. graminearum* est en compétition avec *M. majus*.

Mots-clés : Fusarium graminearum, Fusarium culmorum, Microdochium majus, Microdochium nivale, blé, mycotoxines, interactions

Compromis évolutifs entre agressivité et transmission inter-saison chez l'oomycète *Phytophthora infestans*, responsable du mildiou de la pomme de terre

C. Pasco, B. Marquer, H. Douchy, H. Magalon, D. Andrivon

INRA, AGROCAMPUS OUEST, Université Rennes 1, UMR 1099 BiO3P (Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes), F-35653 LE RHEU

L'utilisation de variétés résistantes est une alternative à l'utilisation des pesticides. Cependant, l'efficacité de la résistance ne sera durable que si l'agressivité des populations de bioagresseurs n'augmente pas continuellement au fil du temps. S'il n'existe pas de trade-offs suffisamment forts entre les traits d'histoire de vie et le pouvoir pathogène du parasite, il sera nécessaire de recommander des stratégies de gestion des variétés permettant de ralentir cette adaptation. Les populations européennes de *P. infestans* sont polymorphes pour l'agressivité et l'augmentation de leur niveau d'agressivité peut se produire au cours d'une épidémie pendant la saison culturale (Andrivon *et al.* 2007). Entre deux saisons culturales, la transmission par multiplication asexuée implique trois étapes: (1) transmission à partir des folioles infectées vers les tubercules fils; (2) survie hivernale des tubercules infectés ; (3) émergence de tiges malades à partir des tubercules infectés. Montarry *et al.* (2007) ont montré qu'il n'y avait pas de différence de survie hivernale entre isolats d'agressivité différente. Notre objectif était de tester l'existence d'un compromis entre agressivité et transmission sur les deux autres étapes de la transmission : (1) et (3). Nous avons réalisé des inoculations en conditions semi-contrôlées avec trois isolats différant par leur agressivité sur le cultivar sensible Bintje. Pour l'étude de la contamination des tubercules fils (étape 1), les plantes ont été inoculées et les symptômes ont été suivis jusqu'à la récolte des tubercules. Les résultats montrent une corrélation négative entre agressivité et poids des tubercules, et une corrélation positive entre agressivité et taux d'infection des tubercules. Pour l'étude de la phase d'émergence (étape 3), des tubercules ont été inoculés et suivis jusqu'à la levée des tiges. Une corrélation positive entre agressivité des isolats et taux de mortalité des tiges à la levée a été observée. Les isolats les plus agressifs seraient donc doublement pénalisés pour la transmission entre saisons : ils disposent d'une base nutritive plus faible pour survivre pendant l'hiver, et ils réduisent le nombre de tiges infectées produites par les tubercules la saison suivante. Ces données sont en accord avec l'hypothèse d'un compromis entre agressivité et transmission entre saison chez *P. infestans*, qui pourrait permettre la stabilisation des niveaux d'agressivité au cours du temps dans les populations.

(1) Andrivon D., Pilet F., Montarry J., Hafidi M., Corbière R., Achbani E.H., Pellé R., Ellissèche D., 2007. Adaptation of *Phytophthora infestans* to partial resistance in potato: evidence from French and Moroccan populations. Phytopathology 97: 338-343.
(2) Montarry J., Corbière R., Andrivon D., 2007. Is there a tradeoff between aggressiveness and over-winter survival in *Phytophthora infestans*? Functional Ecology 21: 603-610.
(3) Pasco C., Marquer B., Douchy H., Magalon H., Andrivon D., 2009. Aggressiveness and transmission: does a correlation exist in *P. infestans*? PPO-Spécial Report N°13: 71-76.

Mots-clés : Phytophthora infestans, agressivité, transmission, trade-off, inter-culture

La fréquence des variétés de blé dans le paysage cultivé influence leur niveau de résistance observé

J. Papaïx (2,3), P. DuCheyron (1), H. Goyeau (2), H. Monod (3), C. Lannou (2)

(1) Arvalis - Institut du végétal, F-78280 Guyancourt
(2) UMR 1290 BIOGER, F-78850 Thiverval-Grignon
(3) UR 341 MIA, F-78352 Jouy-en-Josas

On considère classiquement qu'une variété de blé est résistante ou sensible selon que ses gènes de résistance majeurs sont contournés ou pas. La composante quantitative de l'interaction (résistance quantitative chez la plante ; agressivité chez le parasite) est encore très mal prise en compte dans l'analyse de la résistance au champ (résistance observée, qui découle à la fois des facteurs de résistance de la plante et de la composition de la population parasite). Dans cette étude, nous proposons une analyse des liens entre fréquence des variétés dans le paysage cultivé et résistance au champ de ces variétés. Cette étude est basée sur la rouille brune du blé, causée par *Puccinia triticina*. Ce parasite présente des populations organisées en pathotypes de structure clonale. Pour ce travail, nous disposions de trois jeux de données représentants (i) la fréquence des variétés majoritaires dans le paysage en blé français (ONIC), (ii) le suivi des populations de rouille brune du blé sur chacune de ces variétés (INRA, BIOGER) et (iii) les notes de sévérité mesurées sur un réseau d'essais (Arvalis). Ces notes de sévérité sont utilisées pour évaluer le niveau de résistance des variétés cultivées en France, en situation de production. En supposant que sur une saison la dispersion homogénéise rapidement la composition du nuage de spores à l'échelle de la France, nous avons fait l'hypothèse que la fréquence des variétés dans le paysage influence la composition des populations qu'elles hébergent, et que cette évolution des populations de rouille se répercute ensuite en termes de sévérité observée et donc de niveau de résistance attribué aux variétés. Nous avons mené l'analyse conjointe des données en développant un modèle hiérarchique. L'estimation des paramètres s'est faite grâce au logiciel Jags qui se place dans un cadre bayésien implémenté via les méthodes MCMC. En départageant les interactions qualitatives (attribuables aux gènes de résistance majeurs) des interactions quantitatives (niveau de sévérité mesuré) nous avons remarqué que l'augmentation des fréquences de virulence dans la population pathogène - en réponse à l'augmentation des surfaces portant les gènes majeurs correspondants - ne peut à elle seule expliquer l'évolution des notes de sévérité. Nous avons ainsi pu mettre en évidence des interactions préférentielles entre pathotypes et variétés, basées sur des mesures quantitatives de maladie. Enfin, nous avons montré l'existence d'un lien entre la fréquence des variétés dans le paysage, la proportion de certains pathotypes (parmi l'ensemble des pathotypes virulents) et la sévérité de maladie observée sur les variétés. Dans le cas d'une variété (Soissons) autrefois très représentée dans le paysage, nous avons établi que la baisse de fréquence de cette variété s'accompagne d'une augmentation de son niveau de résistance mesuré au champ, alors même que Soissons reste sensible à la majorité des pathotypes présents. Ce lien fréquence - résistance s'explique par la variation d'un seul pathotype, très agressif sur Soissons. Dans une perspective plus large, ce travail montre également une méthode d'investigation et de mise en relation de jeux de données très hétérogènes à une échelle macroscopique.

Mots-clés : résistance quantitative ; modélisation bayésienne ; *Puccinia triticina* ; épidémiologie du paysage

Résistance quantitative du blé à la rouille brune : composantes et spécificité

G. Azzimonti, H. Goyeau, C. Lannou

INRA UMR 1290, BP 01, F-78850 Thiverval Grignon, France

Les résistances de type spécifique à la rouille brune du blé peuvent être contournées par des pathotypes virulents de *Puccinia triticina* en 2 à 3 ans. Améliorer la durabilité de la résistance génétique à cette maladie implique donc d'exploiter des résistances de type quantitatif, réputées plus durables. Dans cette étude, nous avons identifié des sources de résistance quantitative, décomposé l'effet de ces résistances sur les différentes étapes du cycle infectieux, et évalué sa spécificité vis à vis de différents pathotypes. La première étape a été de rechercher des sources de résistance quantitative dans le matériel génétique proposé par les sélectionneurs français. La sévérité de la maladie (AUDPC) a été mesurée pour une centaine de génotypes implantés dans des pépinières multilocales inoculées avec des pathotypes virulents. Parmi les génotypes ayant exprimé un niveau de résistance quantitative intéressant, nous avons sélectionné 9 lignées pour une étude en conditions contrôlées. Ces lignées ont été confrontées en serre à 3 pathotypes virulents fréquents dans la population française, et les différentes variables décrivant le cycle infectieux ont été mesurées (efficacité d'infection, période de latence, sporulation). Les analyses statistiques ont confirmé que le niveau de résistance quantitative de ces lignées était supérieur à celui des variétés témoins sensibles. Selon les lignées, une ou deux des composantes du cycle infectieux ont été affectées par la résistance quantitative, mais aucune des lignées étudiées n'a montré un effet simultanément sur les 3 composantes mesurées. Nous avons mis en évidence une interaction significative lignée x pathotype sur l'efficacité d'infection, ce qui suggère un certain niveau de spécificité.
Ces résultats montrent l'existence de sources diversifiées de résistance quantitative dans le matériel étudié, mais soulignent aussi la nécessité de confronter les génotypes hôtes à un jeu d'isolats bien choisi pour évaluer correctement les composantes de résistance quantitative.

Mots-clés : résistance quantitative, rouille brune du blé

Pression de sélection exercée par des génotypes de *Malus x domestica* partiellement résistants sur des populations de *Venturia inaequalis* provenant des compartiments sauvages et cultivés

A. Lê Van (1,2), M. De Gracia (1), V. Caffier (1), B. Le Cam (1), C.-E. Durel (2)

(1) UMR 077 PaVé, Université d'Angers, Agrocampus Ouest, INRA Angers.
(2) UMR 1259 GenHort, Université d'Angers, Agrocampus Ouest, INRA Angers.

Le déploiement de variétés résistantes portant des gènes majeurs peut avoir un impact fort sur la structuration des populations de pathogène. Chez le pommier, l'utilisation des variétés résistantes à la tavelure portant le gène majeur *Vf* a conduit à l'augmentation en fréquence de souches virulentes, probablement issues du compartiment sauvage, menant à la perte d'efficacité de ce gène. Les résistances partielles sont considérées plus durables. Cependant l'adaptation des pathogènes à ce type de résistance a été beaucoup moins étudiée. Dans cette étude, nous testons l'hypothèse (1) d'une adaptation différentielle des souches selon leur compartiment d'origine (2) d'une sélection des souches les plus agressives par les résistances partielles. Deux cultivars sensibles et 51 génotypes appartenant à une descendance F1 où ségrégent 8 facteurs de résistance (QTLs et gènes majeurs) ont été inoculés en conditions contrôlées par 3 core collections de *V. inaequalis* isolées de *M. x domestica* et d'espèces endémiques asiatique, *M. sieversii* et européenne, *M. sylvestris*. Chaque core collection est constituée de 10 souches inoculées en mélange. La sévérité de la maladie a été notée, l'identité des souches sporulantes a ensuite été définie à l'aide de marqueurs microsatellites. Enfin, les souches identifiées ont été inoculées seules sur certains génotypes F1 ainsi que sur les cultivars sensibles afin de comparer leur agressivité. Concernant le compartiment sauvage, 2 souches sont toujours présentes quelque soit le génotype testé suggérant que l'effet de compétition entre souches serait plus important que l'effet du génotype hôte. En revanche, les fréquences de détection des souches issues de *M. x domestica* varient selon le génotype. De plus, c'est dans ce compartiment que l'on détecte le plus de souches multivirulentes. Le lien entre résistances partielles et niveau d'agressivité sera présenté.

Mots-clés : agressivité, QTL, adaptation, sélection.